



علوم ریاضی / علوم داده ها و کامپیوتر

چنگیز

اصلاحچی

شماره تماس: ۲۲۴۳۱۶۵۴

رایانامه: Ch-Eslahchi@sbu.ac.ir

وب سایت:

پروفايل علم سنجی:

http://scimet.sbu.ac.ir/Changiz_Eslahchi

تحصیلات

■ دانشگاه صنعتی شریف – تهران، ریاضی

علاقه پژوهشی

■ بیوانفورماتیک

فعالیت‌های اجرایی

■ سرپرست گروه پژوهشی مدل سازی، ۱۴۰۰ تا زمان حال

■ معاونت آموزشی دانشکده علوم ریاضی، ۱۳۹۶ تا ۱۳۹۷

■ سرپرست گروه پژوهشی مدل سازی، ۱۳۹۶ تا ۱۴۰۰

■ معاونت آموزشی دانشکده علوم ریاضی، ۱۳۹۴ تا ۱۳۹۶

■ سرپرست معاونت آموزشی دانشکده علوم ریاضی، ۱۳۹۳ تا ۱۳۹۴

■ سرپرست گروه پژوهشی مدل سازی، ۱۳۹۳ تا ۱۳۹۶

ارتباط با صنعت

مدل سازی محاسباتی الگوی برامگیختگی و پیشیمانی در تصمیم گیری پر خطر براساس آزمون های عصب شناسی و تدوین کاربرست آن در

■ توانبخشی شناختی

۱۳۹۳

■ کاربرد منطق فازی برای تعیین ساختمان دوم مولکولهای پروتئینی

۱۳۸۳

مقالات علمی چاپ شده در مجلات

■ **A Probabilistic Model for the Spread of HIV Infection among Injection Drug**

Changiz Eslahchi

Word journal of Modeling And Simulation, Vol.1

■ **A Fuzzy Hellix Assignment**

Changiz Eslahchi, , ,

INTERNATIONAL JOURNAL OF BIOTECHNOLOGY

■ **Removing the association of random gene sets and survival time in cancers with positive random bias using fixed-point gene set**

Maryam Maghsoudi, Changiz Eslahchi, Rosa Aghdam

Scientific Reports, Vol.13, 2023

■ **Structural Comparison for Identifying Protein Hotspots**

Mohamad Houssein Hoballa, Changiz Eslahchi

Journal of Applied Biotechnology Reports, Vol.101, pp. 1156-1168, 2023

■ **Detection of structural and conformational changes in ALS-causing mutant profilin-1 with hydrogen/deuterium exchange mass spectrometry and bioinformatics techniques**

Ahmad Shahir Sadr, Zahra Abdollahpour amlashi, Atousa Aliahmadi, Changiz Eslahchi, Mina Nekouei, Lily Kiaei, Mahmoud Kiaei, Alireza Ghassempour

METABOLIC BRAIN DISEASE, Vol.37, pp. 229-241, 2022

■ **Assignment of structural domains in proteins using diffusion kernels on graphs**

Changiz Eslahchi, Mohammad Taheri

BMC BIOINFORMATICS, pp. 1-24, 2022

■ **Detection of Structural and Conformational Changes in ALS-causing Mutant Profilin1 with Hydrogen/Deuterium Exchange Mass Spectrometry and Bioinformatics Techniques**

Ahmad Shahir Sadr, Zahra Abdollahpour, Atousa Aliahmadi, Changiz Eslahchi, Mina Nekouei, Lily kiaei, Mahmoud Kiaei, Alireza Ghassempour

METABOLIC BRAIN DISEASE, Vol.37, pp. 229-241, 2022

■ **Identification of repurposed drugs targeting significant long non-coding RNAs in the cross-talk between diabetes mellitus and Alzheimer's disease**

Shokofeh Ghiam, Changiz Eslahchi, Sajad Gharaghani

Scientific Reports, Vol.12, 2022

■ **Exploring the role of non-coding RNAs as potential candidate biomarkers in the cross-talk between diabetes mellitus and Alzheimer's disease**

Shokofeh Ghiam, Changiz Eslahchi, Sajad Gharaghani

Frontiers in Aging Neuroscience, Vol.14, pp. 1-15, 2022

■ **A neural network-based method for polypharmacy side effects prediction**

Razieh Masumshah, Rosa Aghdam, Changiz Eslahchi

BMC BIOINFORMATICS, pp. 1-17, 2021

■ **Predicting Anti-Cancer Drug Response by Finding Optimal Subset of Drugs**

Fatemeh Yassaee, Changiz Eslahchi

BIOINFORMATICS, Vol.37, pp. 4509-4516, 2021

■ **An order independent algorithm for inferring gene regulatory network using quantile value for conditional independence tests**

Sayyed Hadi Mahmoodi, Rosa Aghdam, Changiz Eslahchi

Scientific Reports, Vol.11, 2021

■ **DisCoVering potential candidates of RNAi-based therapy for COVID-19 using computational methods**

Narjes Rohani, Fatemeh Ahmadi Moughari, Changiz Eslahchi

PeerJ, Vol.9, 2021

■ **Auto-HMM-LMF: Feature selection based method for prediction of drug response via Autoencoder and Hidden Markov Model**

Akram Emdadi, Changiz Eslahchi

BMC BIOINFORMATICS, Vol.22, 2021

■ **A computational method for drug sensitivity prediction of cancer cell lines based on various molecular information**

Fatemeh Ahmadi Moughari, Changiz Eslahchi
PLoS One, Vol.16, 2021

■ **Clinical drug response prediction from preclinical cancer cell lines by logistic matrix factorization approach**

Akram Emdadi, Changiz Eslahchi
Journal of Bioinformatics and Computational Biology, Vol.20, pp. 1-13, 2021

■ **In silico studies reveal structural deviations of mutant profilin-1 and interaction with riluzole and edaravone in amyotrophic lateral sclerosis**

Ahmad Shahir Sadr, Changiz Eslahchi, Alireza Ghassempour, Mahmoud Kiaei
Scientific Reports, Vol.11, pp. 1-14, 2021

■ **DSPLMF: A Method for Cancer Drug Sensitivity Prediction Using a Novel Regularization Approach in Logistic Matrix Factorization**

Akram Emdadi, Changiz Eslahchi
Frontiers in Genetics, Vol.11, 2020

■ **CAMND: Comparative analysis of metabolic network decomposition based on previous and two new criteria, a web based application**

Fatemeh Yassaee, Akram Emdadi, Abolfazl Rezvan, Changiz Eslahchi
BIOSYSTEMS, Vol.189, 2020

■ **Classifying Breast Cancer Molecular Subtypes by Using Deep Clustering Approach**

Narjes Rohani, Changiz Eslahchi
Frontiers in Genetics, Vol.11, pp. 1-15, 2020

■ **ISCMF: Integrated similarity-constrained matrix factorization for drug-drug interaction prediction**

Narjes Rohani, Changiz Eslahchi, Ali Katanforoush
Network Modeling and Analysis in Health Informatics and Bioinformatics, Vol.9, 2020

■ **ADRML: anticancer drug response prediction using manifold learning**

Fatemeh Ahmadi Moughari, Changiz Eslahchi
Scientific Reports, Vol.10, 2020

■ **A novel algorithm for parameter estimation of Hidden Markov Model inspired by Ant Colony Optimization**

Akram Emdadi, Fatemeh Ahmadi Moughari, Fatemeh Yassaee, Changiz Eslahchi
Heliyon, Vol.5, pp. 1-25, 2019

■ **CDAP: An Online Package for Evaluation of Complex Detection Methods**

Ali M. A. Maddi, Fatemeh Ahmadi Moughari, Mohammad mehdi Balouchi, Changiz Eslahchi
Scientific Reports, Vol.9, 2019

■ **Significant random signatures reveals new biomarker for breast cancer**

Elnaz Saberi Ansar, Changiz Eslahchi, Mahsa Rahimi, Lobat Geranpayeh, Marzieh Ebrahimi, Rosa Aghdam, Gweneg Kerdivel
BMC Medical Genomics, Vol.12, 2019

■ **TOPDRIVER: the novel identifier of cancer driver genes in Gastric cancer and Melanoma**

Sayed Mohammad Razavi, Farzaneh Rami, Seyedeh Hour Razavi, Changiz Eslahchi
Applied Network Science, Vol.4, 2019

■ **Drug-Drug Interaction Predicting by Neural Network Using Integrated Similarity**

Narjes Rohani, Changiz Eslahchi
Scientific Reports, Vol.9, 2019

■ **PMLPR A novel method for predicting subcellular localization based on recommender systems**

Elnaz Mirzaei Mehrabad, Reza Hassanzadeh, Changiz Eslahchi
Scientific Reports, Vol.8, pp. 1-10, 2018

■ **Screening of autism based on task-free fMRI using graph theoretical approach**

Masoomah Sadeghi Damavandi, Reza Khosrowabadi, Fatemeh Bakouie, Hoda Mahdavi, Changiz Eslahchi, Hamid Reza Pouretamad
PSYCHIATRY RESEARCH-NEUROIMAGING, Vol.1, pp. 48-56, 2017

■ **OrthoGNC A Software for Accurate Identification of Orthologs Based on Gene Neighborhood Conservation**

Limsoon Wong, Soheil Jahangiri Tazehkand, Changiz Eslahchi
GENOMICS PROTEOMICS & BIOINFORMATICS, Vol.15, pp. 361-370, 2017

■ **Discovering overlapped protein complexes from weighted PPI networks by removing inter-module hubs**

A. M. A. Maddi, Changiz Eslahchi
Scientific Reports, Vol.7, pp. 3247-3261, 2017

■ **Dynamical 2-domination in Graphs**

Changiz Eslahchi, Hamid Reza Maimani, Tusserkani Rouzbeh, Rouzbeh Torabi
ARS COMBINATORIA, Vol.134, pp. 339-350, 2017

■ **Comparison of different approaches for identifying subnetworks in metabolic networks**

Abolfazl Rezvan, Changiz Eslahchi
Journal of Bioinformatics and Computational Biology, Vol.15, pp. 1750025-1750050, 2017

■ **Gender Classification Based on Eye Movements A Processing Effect during Passive Face Viewing**

Negar Sammaknejad, Hamid Reza Pouretamad, Changiz Eslahchi, Alireza Salahirad, Ashkan Alinejad
Advances in Cognitive Psychology, Vol.13, pp. 232-240, 2017

■ **Proper Nearly Perfect Sets in Graphs**

Changiz Eslahchi
ARS COMBINATORIA, pp. 143-156, 2016

■ **Some Remarks On Global Total Domination In Graphs**

, Changiz Eslahchi, ,
Applied Mathematics E - Notes, Vol.15, pp. 22-28, 2015

■ **Inferring gene regulatory networks by an order independent algorithm using incomplete data sets**

Rosa Aghdam, Mojtaba Ganjali, , Changiz Eslahchi
JOURNAL OF APPLIED STATISTICS, Vol.43, pp. 893-913, 2015

■ **Analysis of dynamical system to transition probabilities in the Birth-Death Markov process in the epidemic model**

Fateme Sadat Movahedi, Changiz Eslahchi, Mahdi Pourbarat, Mohammad Sadegh Shahrokhi-Dehkordi
Far East Journal of Dynamical Systems, Vol.26, pp. 61-74, 2015

■ **Inferring Gene Regulatory Networks by PCA-CMI Using Hill Climbing Algorithm Based on MIT Score and SORDER Method**

roza aghdam, Mohsen Alijanpour Ghahroudi, , Changiz Eslahchi, Abolfazl Rezvan
International Journal of Biomathematics, Vol.18, pp. 23-44, 2015

■ **FCDECOMP Decomposition of metabolic networks based on flux coupling relations**

, Abolfazl Rezvan, Changiz Eslahchi
Journal of Bioinformatics and Computational Biology, Vol.12, pp. 1-22, 2014

■ **CN A Consensus Algorithm for Inferring Gene Regulatory Networks Using SORDER Algorithm and Conditional Mutual Information Test**

Rosa Aghdam, Mojtaba Ganjali, Xiujun Zhang, Changiz Eslahchi
Molecular BioSystems, pp. 942-949, 2014

■ **ProDomAs protein domain assignment algorithm using center-based clustering and independent dominating set**

Elnaz Saberi Ansari, Changiz Eslahchi, Hamid Pezeshk, Mehdi Sadeghi
PROTEINS-STRUCTURE FUNCTION AND BIOINFORMATICS, Vol.82, pp. 1-10, 2014

■ **Do Triplets Have Enough Information to Construct the Multi-Labeled Phylogenetic Tree**

Reza Hassanzadeh, Changiz Eslahchi, Wing-Kin Sung
PLoS One, Vol.9, pp. 1-10, 2014

■ **A New Protein Domain Assignment Algorithm Based on the Dominating Set of a Graph**

Changiz Eslahchi,
MATCH-COMMUNICATIONS IN MATHEMATICAL AND IN COMPUTER CHEMISTRY, Vol.71, pp. 445-456, 2014

■ **IPCA-CMI An Algorithm for Inferring Gene Regulatory Networks based on a Combination of PCA-CMI and MITScore**

Roza Aghdam, Mojtaba Ganjali, Changiz Eslahchi
PLoS One, Vol.9, pp. 1-10, 2014

■ **TripNet A Method for Constructing Rooted Phylogenetic Networks from Rooted Triplets**

Hadi Poormohammadi, Changiz Eslahchi,
PLoS One, Vol.9, pp. 1-12, 2014

■ **CHARACTERIZATION OF CUBIC GRAPHS G WITH $\text{irt}(G)$ $\text{IRt}(G)$ 2**

Changiz Eslahchi,
Discussiones Mathematicae Graph Theory, Vol.34, pp. 559-565, 2014

■ **Assignment of Protein Sequences to Protein Family Profiles Using Spatial Statistics**

, , Changiz Eslahchi,
MATCH-COMMUNICATIONS IN MATHEMATICAL AND IN COMPUTER CHEMISTRY, Vol.69, pp. 7-24, 2013

■ **DISRUPTION OF PROTEIN COMPLEXES**

, , Changiz Eslahchi, WONG LIMSOON
Journal of Bioinformatics and Computational Biology, Vol.11, 2013

■ **A clustering approach for estimating parameters of a profile hidden Markov model**

Rosa Aghdam, , , Changiz Eslahchi
International Journal of Data Mining and Bioinformatics, Vol.8, pp. 66-75, 2013

■ **SSP An interval integer linear programming for de novo transcriptome assembly and isoform discovery of RNA-seq reads**

, , Changiz Eslahchi,
GENOMICS, Vol.102, pp. 507-514, 2013

■ **Two Scenarios for Overcoming Drug Resistance by Co-Targeting**

, , Changiz Eslahchi, Wong Limsoon
International Journal of Bioinformatics Research and Applications, Vol.9, pp. 198-217, 2013

■ **Construcing circular phlogenetic networks from weighted quartets using simulated annealing**

Changiz Eslahchi, REZA HASSANZADEH, , Mahnaz Habibi, ,
MATHEMATICAL BIOSCIENCES, pp. 123-127, 2012

■ **Constructing Rooted Phylogenetic Networks from Triplets based on Height Function**

Hadi Poormohammadi, Changiz Eslahchi
International Journal of Emerging Technology and Advanced Engineering, Vol.2, 2012

■ **Discovering Domains Mediating Protein Interactions**

Changiz Eslahchi
Iranian Journal of Biotechnology, Vol.11, 2012

■ **Calculation of transition probabilities in the birth and death Markov process in the epidemic model**

Changiz Eslahchi, Fateme Sadat Movahedi
MATHEMATICAL AND COMPUTER MODELLING, Vol.55, pp. 810-815, 2012

■ **Erratum to Total domination supercritical graphs with respect to relative complements Discrete Math.2582002) 361-371**

, Changiz Eslahchi, , ,
DISCRETE MATHEMATICS, Vol.312, pp. 1-10, 2012

■ **A Note on the total Domination supercritical Graphs**

, Changiz Eslahchi,
AAPS PHARMSCI, Vol.1, 2012

■ **LSPC An Algorithm for Inference of Gene Networks Using Bayesian Network**

, Rosa Aghdam, Parisa Niloofar, Mojtaba Ganjali, Changiz Eslahchi
AATCC REVIEW, Vol.3, pp. 774-782, 2012

■ **Constructing phylogenetic supernetworks based on simulated annealing**

REZA HASSANZADEH, Changiz Eslahchi,
MOLECULAR PHYLOGENETICS AND EVOLUTION, Vol.63, pp. 738-744, 2012

■ **Comparison of the bidirectional Baum-Welch algorithm and the Baum-Welch algorithm on regular lattice**

, , , Changiz Eslahchi
Progress in Biological Sciences, Vol.2, pp. 14-22, 2012

■ **A Bidirectional Bayesian Monte Carlo Approach for Estimating Parameters of a Profile Hidden Markov Model**

, Rosa Aghdam, Parisa Niloofar, Mojtaba Ganjali, Changiz Eslahchi
AAPG BULLETIN, Vol.2, pp. 1-10, 2011

■ **Outer-k-connected component domination in graphs**

, Changiz Eslahchi, ,
GRAPHS AND COMBINATORICS, Vol.8, pp. 131-139, 2011

■ **Haplotype block partitioning and tagSNP selection under the perfect phylogeny model**

Changiz Eslahchi, Ali Katanforoush, Nargess Afzaly, Hamid Pezeshk
Iranian Journal of Biotechnology, Vol.9, pp. 1209-1221, 2011

■ **An Information Theoretic Approach to Secondary Structure Assignment**

Mahnaz Habibi, Changiz Eslahchi, ,
MATCH-COMMUNICATIONS IN MATHEMATICAL AND IN COMPUTER CHEMISTRY, 2011

■ **Hosoya Polynomial of an Infinite Family of Dendrimer**

Changiz Eslahchi, ,
Iranian Journal of Mathematical Chemistry, Vol.2, pp. 71-79, 2011

■ **A note on the Total Irredundance in Regular Graphs**

Changiz Eslahchi, ,
Australian journal of basic and applied sciences (MSRT BLACKLIST), Vol.9, pp. 1999-2001, 2011

■ **MCNet A method for the construction of phylogenetic networks based on the Monte-Carlo method**

Changiz Eslahchi, Mahnaz Habibi, , Reza Hassanzadeh
BMC EVOLUTIONARY BIOLOGY, pp. 254-264, 2010

■ **Protein Complex Prediction based on k-Connected Sub-graphs in Protein Interaction Network**

Changiz Eslahchi
BMC System Biology, 2010

■ **Construction of Random Perfect Phylogeny Matrix**

Changiz Eslahchi
Advanced And Applications in bioinformatics and chemistry, Vol.3, pp. 1-8, 2010

■ **The interpretation of protein structures based on graph theory and contact map**

Changiz Eslahchi
Open Access Bioinformatics, 2010

■ **a pairwise residue contact area based mean force potential for discrimination of native protein structure**

, , Changiz Eslahchi, ,
BMC BIOINFORMATICS, Vol.16, 2010

■ **A Segmental Semi Markov Model for Protein Secondary Structure Prediction**

Changiz Eslahchi
MATHEMATICAL BIOSCIENCES, Vol.221, pp. 130-135, 2009

■ **A Distance Dependent Atomic Knowledge Based Potential and Force for Discrimination of Native Structures from Decoys**

Mahdi Miirzaie, Changiz Eslahchi,
PROTEINS-STRUCTURE FUNCTION AND BIOINFORMATICS, Vol.77, pp. 454-464, 2009

■ **Enhanced Evolutionary and Heuristic Algorithms for Haplotype Reconstruction Problem Using Minimum Error Correction Model**

Changiz Eslahchi
MATCH-COMMUNICATIONS IN MATHEMATICAL AND IN COMPUTER CHEMISTRY, Vol.62, pp. 261-274, 2009

■ **Ston A Novel Method for Protein three-dimensional Structure Comparison**

Changiz Eslahchi,
COMPUTERS IN BIOLOGY AND MEDICINE, Vol.39, pp. 166-172, 2009

■ **Protein Secondary Structure Prediction Using three Neural Networks and a Segmental Semi Markov Model**

, Changiz Eslahchi, ,
MATHEMATICAL BIOSCIENCES, Vol.217, pp. 145-150, 2009

■ **An Algorithm for Construction of all Perfect Phylogeny Matrices**

Changiz Eslahchi
MATCH-COMMUNICATIONS IN MATHEMATICAL AND IN COMPUTER CHEMISTRY, Vol.62, pp. 251-259, 2009

■ **PROSIGN A Method for Protein Secondary Structure Assignment Based on Three-Dimensional Coordinates of Cosecutive Ca atoms**

Changiz Eslahchi,
COMPUTATIONAL BIOLOGY AND CHEMISTRY, Vol.32, pp. 406-411, 2008

■ **The Performance of chi-square Test and complexity Measures for Signal Recognition in Biological Sequences**

Changiz Eslahchi
JOURNAL OF THEORETICAL BIOLOGY, Vol.251, pp. 380-387, 2008

■ **A Tale of two Symmetrical Tails Structural and Functional Charateristics of Palindroms in Proteins**

Changiz Eslahchi,
BMC BIOINFORMATICS, Vol.9, pp. 274-281, 2008

■ **Some Properties Of Ordered Hypergraphs**

Changiz Eslahchi, Amirhossein Rahimi
Matematicki Vesnik, Vol.59, pp. 9-13, 2007

■ **AIP Conference Proceedings**

Changiz Eslahchi
Netherlands Philately Journal, Vol.936, pp. 185-190, 2007

■ **The k-Zero-Divisor Hypergraph of A Commutative Ring**

Changiz Eslahchi,
INTERNATIONAL JOURNAL OF MATHEMATICS AND MATHEMATICAL SCIENCES, pp. 1-15, 2007

■ **An Algorithm for Rank Aggregation Problem**

Changiz Eslahchi,
APPLIED MATHEMATICS AND COMPUTATION, Vol.189, pp. 1847-1858, 2007

■ **Helix segment assignment in proteins using fuzzy logic**

, , Changiz Eslahchi
Iranian Journal of Biotechnology, Vol.5, 2007

■ **Haplotyping Problem A Clustering Approach**

Changiz Eslahchi
American Institute of Physics conference proceedings, Vol.936, pp. 185-190, 2007

■ **AIP Conference Proceedings**

Changiz Eslahchi
World Student Christian Federation. Dossier, Vol.936, pp. 185-190, 2007

■ **c-Perfect k- uniform hypergraphs**

Changiz Eslahchi,
Journal of Ars Combinatorics, Vol.79, pp. 235-244, 2006

■ **Vertex-Strength of Fuzzy Graphs**

Changiz Eslahchi, B.N Onagh
Journal of Mathematics and Mathematical Sciences, pp. 1-9, 2006

■ **Impact of prediction of donor and acceptor splic site using RNA structure information**

Changiz Eslahchi, S. A Marashi, m Sadeghi, H Pezeshk
BMC BIOINFORMATICS, pp. 1-8, 2006

■ **Importance of RNA secondary structure information for yeast donor and acceptor splic site prediction by neural networks**

, , , Changiz Eslahchi
COMPUTATIONAL BIOLOGY AND CHEMISTRY, Vol.30, pp. 50-57, 2006

■ **Impact of RNA structure on the prediction of donor and acceptor splice sites**

Changiz Eslahchi
BMC BIOINFORMATICS, Vol.7, pp. 297-304, 2006

■ **Characterization of graphs with Hall number 2**

Changiz Eslahchi, matthew johnson
JOURNAL OF GRAPH THEORY, Vol.45, pp. 81-100, 2004

■ **Circular chromatic number of hypergraphs**

Changiz Eslahchi,
Journal of Ars Combinatorics, Vol.73, pp. 239-246, 2004

■ **Some Concepts in List Coloring**

Changiz Eslahchi, , Hossein Hajiabolhassan
Journal of Combinatorial Mathematics and Combinatorial Computing, Vol.41, pp. 151-160, 2002

■ **Characterization of Graphs with Hall index 2**

Changiz Eslahchi
Australasian Journal of Combinatorics, Vol.21, pp. 13-21, 2000

■ **The Hall-Condition index of a Graph and Overfull Conjecture**

Changiz Eslahchi, A.J.W HILTON, - Dugdale
Journal of Combinatorial Mathematics and Combinatorial Computing, Vol.35, pp. 197-216, 2000

■ **The Hall-Condition Index of a Graph and the Overfull Conjecture**

Changiz Eslahchi
Journal of Combinatorial Mathematics and Combinatorial Computing, Vol.35, pp. 197-216, 2000

■ **Progress on the Hall-Number-Two Problem**

Changiz Eslahchi
Australasian Journal of Combinatorics, Vol.21, pp. 211-236, 2000

■ **Progress on the Hall number Two problem**

Changiz Eslahchi, A.J.W HILTON, P.D johnson
Australasian Journal of Combinatorics, Vol.21, pp. 211-236, 2000

■ **A counterexample for Hilton Johnson s conjecture on list coloring of graphs**

Hossein Hajiabolhassan, Changiz Eslahchi, M.L Mehrabadi, R Tusserkani
Australasian Journal of Combinatorics, Vol.18, pp. 127-131, 1998

■ **A Counterexample for Hilton- Jojnson s Conjecture on List-Coloring of Graphs**

Changiz Eslahchi
Australasian Journal of Combinatorics, pp. 127-131, 1998

■ **بر ارزش یک مدل رگرسیون پواسونی بر نتایج فوتبال لیگ برتر ایران**

سهیلا شعبانی مشکول، احسان بهرامی سامانی، چنگیز اصلاچی

مجله ی بررسی های آمار رسمی ایران، نسخه ۲۱، صفحات: ۲۳۰-۲۳۷، ۱۳۸۹

■ **پیشگیری انعطاف پذیری قطعات پروتین با استفاده از پروفایل انرژی**

چنگیز اصلاچی

■ نقشه های تماس پروتئینی اسید آمینه محور

چنگیز اصلاچی، مهدی صادقی، نارسیس آفتاب کیانی

مجله علوم دانشگاه تهران، نسخه ۳۴، صفحات: ۴۹-۵۴، ۱۳۸۶

■ پیرایشی بر الگوی وابستگی چپ-به-راست و راست-به-چپ برای پیشگویی ساختار دوم

چنگیز اصلاچی، محسن محمدزاده، مهدی صادقی، حمید پزشکی، سیما تقی زاده

نسخه ۳۴، صفحات: ۶۱-۶۶، ۱۳۸۶، JOURNAL OF SCIENCE UNIVERSITY OF TEHRAN،

■ روش تحلیلی برای نسبت دادن ساختمان دوم پروتئین

چنگیز اصلاچی، مهناز حبیبی، حمید پزشکی، مهدی صادقی

نسخه ۳۴، صفحات: ۴۱-۴۸، ۱۳۸۶، JOURNAL OF SCIENCE UNIVERSITY OF TEHRAN،

مقالات علمی ارائه شده در همایش‌ها

■ generalization of the outer-connected domination in graphs

Changiz Eslahchi

2th Istanbul design theory graph theory and combinatorics conference

■ overcoming dRug resistance by cotrageting

, , , Changiz Eslahchi,

IEEE(BIBM)2010

■ overcoming drug resistance by co-trageting

Changiz Eslahchi

IEEE(BIBM)

■ A Monte-Carlo Method for the Construction of Phylogenetic Networks from Weighted Quartets

Changiz Eslahchi

AMIC 2010

■ a modified biodirectional hidden markov model and its appliction in protein secondary structure prediction

, , , Changiz Eslahchi,

ieee 2010

■ construction of random perfect phylogeny matrix

, , , , Changiz Eslahchi

(tcwmc 2010) the third conference and workshop on mathematical chemistry

■ haplotype block partitioning and tagsnp selection under the perfect phylogeny

Changiz Eslahchi, , , Ali Katanforoush

(tcwmc 2010) the third conference and workshop on mathematical chemistry

■ mc net a monte carlo method for the construction of phylogentic networks

Changiz Eslahchi, Mahnaz Habibi, REZA HASSANZADEH,

4th international conference on resarch and education in mthematics

■ Libra a de novo motif finding in promoter sequences based on linear algebra

Changiz Eslahchi, , , Alireza Sheykhatar

WCSET 2009 (world congress on science engineering and technology) - proceedings of world academy of science engineering and technology

■ Haplotyping problem A clustering approach

Changiz Eslahchi

International conference of numerical analysis and applied mathematics 2007(ICNAAM 2007)

■ یک الگوریتم ژنتیک برای استنباط هاپلوتایپ ها

Hamid Pezeshk، چنگیز اصلاحچی، Mehdi Sadeghi، سید علی کتافروش

دهمین کنفرانس سیستم های فازی ایران، صفحات: ۸-۱۳

■ بررسی پیچیدگی توالی های آیینی ای در پروتئین ها

چنگیز اصلاحچی

پنجمین همایش ملی بیوتکنولوژی جمهوری اسلامی ایران

■ الگوریتمی برای پلاک بندی هاپلوتایپ ها بر مبنای درخت های فیلوژنتیک کامل

چنگیز اصلاحچی، حمید پزشک

پنجمین همایش ملی بیوتکنولوژی جمهوری اسلامی ایران

■ شناسایی الگوها در توالی های زیستی با استفاده از آماره مربع کای و روش های مبتنی بر اندازه گیری

لیلا پیرحاجی، مهدی صادقی، مهدی کارگر، آرمینا شعاری، هادی پورمحمدی، حمید پزشک، چنگیز اصلاحچی

پنجمین همایش ملی بیوتکنولوژی جمهوری اسلامی ایران

■ الگوریتم خوشه بندی برای مساله بازسازی هاپلو تایپ ها

مهدی کارگر، حمید پزشک، هادی پورمحمدی، لیلا پیرحاجی، چنگیز اصلاحچی

پنجمین همایش ملی بیوتکنولوژی جمهوری اسلامی ایران

■ تخصیص ساختمان دوم پروتئین با استفاده از اتروپی

چنگیز اصلاحچی، حمید پزشک، مهناز حبیبی

پنجمین همایش ملی بیوتکنولوژی جمهوری اسلامی ایران

■ روشی جدید برای مقایسه ساختمان سه بعدی پروتئینها ston

شهریار عرب سید، چنگیز اصلاحچی

پنجمین همایش ملی بیوتکنولوژی جمهوری اسلامی ایران

■ ترکیبی از مدل های مارکفی پنهان و شبکه های عصبی برای تعیین ساختار دوم پروتئین ها

حمید پزشک، چنگیز اصلاحچی، مهدی صادقی، امین ملک پور

پنجمین همایش ملی بیوتکنولوژی جمهوری اسلامی ایران

■ الگوریتم حریصانه برای مساله تشخیص کمترین تعداد هاپلوتایپ ها از ژنو تایپ ها

هادی پورمحمدی، حمید پزشک، مهدی کارگر، چنگیز اصلاحچی

پنجمین همایش ملی بیوتکنولوژی جمهوری اسلامی ایران

■ الگوریتمی برای پیدا کردن موتیف های توالی بر مبنای جبر خطی

علیرضا شیخ عطار، چنگیز اصلاحچی

پنجمین همایش ملی بیوتکنولوژی جمهوری اسلامی ایران

■ Ca روشی جدید برای نسبت دادن ساختار دوم پروتئین بر اساس روابط ریاضیاتی بین مختصات سه بعدی

■ هاپلوتیپها با استفاده از نظریه اطلاعات-SNP بررسی ساختار بلوکی در

چنگیز اصلاحچی

پنجمین همایش ملی بیوتکنولوژی جمهوری اسلامی ایران

پایان نامه ها و رساله های دکتری

■ تعیین جهش های داغ در پروتئین های مربوط به سرطان با استفاده از هم ترازای سه بعدی پروتئینی

محمدحسین حب الله

۱۴۰۲

■ رویکرد مبتنی بر شبکه برای پیشگویی پاسخ دارویی

فاطمه یاسائی میبدی

۱۴۰۰

■ یک رویکرد یادگیری ماشین جدید برای پیشگویی پاسخ دارویی با استفاده از انواع داده ها

فاطمه احمدی موغاری

۱۴۰۰

■ بررسی مکانسیم ایجاد و طراحی دارو برای بیماری های آمیوتروفیک لترال اسکروزیس و لوسمی لنفوبلاستیک حاد

احمد شهیر صدر

۱۴۰۰

■ یک روش نوین برای پیش گویی پاسخ داروهای سرطانی با استفاده از سیستم های توصیه گر

اکرم امدادی

۱۳۹۹

■ استنباط پیشینه ی تکاملی زیر گونه های باکتریایی

سهیل جهانگیری تازه کند

۱۳۹۶

■ شناسایی و تحلیل ساختارهای پیمانه ای در شبکه های متابولیک

ابوالفضل رضوان

۱۳۹۶

■ روشی برای کنترل همه گیری در شبکه های جمعیت بر مبنای تئوری گراف

فاطمه سادات موحدی

۱۳۹۳

■ ساختن شبکه های فیلوژنتیک از مجموعه ای از درخت ها یا سه تایی ها

رضا حسن زاده

۱۳۹۳

■ الگوریتمی برای ساختن شبکه های فیلوژنتیک از روی مجموعه ای دلخواه از سه تایی ها

هادی پورمحمدی

۱۳۹۲

■ بررسی کارکرد پروتئین ها بر اساس نظریه گراف

مهناز حبیبی

۱۳۸۹

پایان نامه های کارشناسی ارشد

■ پیشگویی غلظت ترکیبی دارو با استفاده از تجزیه ماتریسی در فضای اعداد مختلط

محمد عبدالهی

۱۴۰۲

■ روشی نوین برای انتخاب و چینش بازیکنان تیم فوتبال با رویکرد یادگیری عمیق و نظریه ی گراف

مهدی نورائی

۱۴۰۲

■ رنگ آمیزی گراف، عدد راسی گراف، عدد همبندی گراف های هندسی تصافی متناظر باشبکه های بی سیم

ایاد سامی کاظم الاماره

۱۴۰۲

■ پیش بینی هم افزایی دارویی و کشف ترکیبات دارویی جدید بر اساس رمزگذاری خودکار گراف و شبکه عصبی کانولوشنال

فیصل غازی عبدالصاحب الفرخان

۱۴۰۲

■ یک روش ادغام بر اساس گرافها برای پیش بینی تعاملات عملکرد چند سطحی

نورالدین عباس حمید النوری

۱۴۰۲

■ کنترل پذیری هدفی شبکه های پیچیده با هدف کمینه کردن تعداد رؤس واسطه به روش برنامه نویسی پویا

سیده فاطمه خضری

۱۴۰۲

■ Hi-C بهبود روش داربست سازی ژنوم با رویکرد یادگیری عمیق به کمک نقشه های حرارتی داده های

سایه سبجانی

۱۴۰۱

■ رویکرد یادگیری ماشین برای پیشگویی هم افزایی دارویی، برمبنای پیدا کردن زیرمجموعه بهینه از رده های سلولی

سودابه ذاکری

۱۴۰۱

■ تحلیل تصاویر پزشکی با شبکه های عصبی گرافی

■ دسته بندی اطلاعات متاژنتیکی با کمک گراف تجمیعی

امین دارابی

۱۴۰۰

■ روشی برای پیشگویی جهش های نادر ایجاد کننده سرطان در خانواده های پروتئینی

زهرا قربانی جیرنده

۱۴۰۰

■ روش آماری برای شناسایی نشانگرهای زیستی سرطان از مجموعه ژن های معنادار

مریم مقصودی

۱۴۰۰

■ پیش بینی برهمکنش های دارویی توسط گراف شبکه های عصبی پیچشی

راضیه معصومشاه

۱۳۹۹

■ بهبود پیشبینی جایگاه سلولی آر ان ای پیام رسان با استفاده از شبکه های عصبی عمیق

نگین سادات بابائیه

۱۳۹۹

■ پیش بینی تاثیرات متقابل جفت داروها با رویکرد سیستمهای توصیه گر

بهاره لویان

۱۳۹۹

■ انتخاب مشخصه مبتنی بر کمپلکس در آنالیز بیان ژن

بهنام ریحانی متنق

۱۳۹۸

■ طراحی شبکه عصبی ژرف برای تعیین توالی دنا بر اساس سیگنال های دستگاه توالی یاب

عادل عابدی اشکاوندی

۱۳۹۸

■ پیش بینی برهم کنش دارو-دارو با استفاده از یادگیری انجمنی مبتنی بر گراف

الهام نییان خوزانی

۱۳۹۸

■ طبقه بندی زیر گروه های مولکولی سرطان با استفاده از رویکرد یادگیری ماشین

نرجس روحانی

۱۳۹۸

■ بهبود الگوریتم های یادگیری شبکه های بیزی برای یافتن شبکه های تنظیم ژنی و ارائه روشی کارا برای ترتیب ژن ها

■ پیشبینی برهمکنش دارو-دارو با استفاده از سیستم های توصیهگر

مریم محمدی

۱۳۹۷

■ مقایسه ی روش های پیش بینی تعامل دارو و هدف

محمدامین خدامرادی

۱۳۹۷

■ ارائه یک روش مبتنی بر گراف جهت تشخیص ژن های محرک سرطان

سیدمحمد رضوی

۱۳۹۷

■ کاربردهایی از سیستم های توصیه گر در بیوانفورماتیک

روح اله جمالی

۱۳۹۶

■ الگوریتمی جدید برای بدست آوردن تشابه بین بیماری ها بر اساس فنوتایپ و ژنوتایپ

فاطمه عباسی

۱۳۹۶

■ بررسی و تعیین الگوهای دیداری مردان و زنان به هنگام نگاه کردن به تصویر چهره ی انسان

مهرداد جهانبانی فرد

۱۳۹۶

■ تخصیص دامنه های ساختاری پروتئین با پیدا کردن هسته های آبگریز

محمد طاهری لداری

۱۳۹۵

■ مدلسازی پشیمانی و برانگیختگی در تصمیم گیری پر خطر

نرگس رضا

۱۳۹۵

■ بررسی شبکه ارتباطات عملکردی مغز در بیماران اوتیستیک با استفاده از نظریه گراف

معصومه سادات صادقی دماوندی

۱۳۹۴

■ بررسی روند رشد بر فعالیت های الکتریکی مغز انسان با استفاده از تئوری گراف ها

فرشید جوادی

۱۳۹۴

■ برای تخصیص دامنه های ساختاری پروتئین ها با استفاده از شبکه عصبی proDomAs بهبود کارایی

■ بررسی مسئله تکمیل شبکه بر روی شبکه های تعاملی پروتئین - پروتئین

مرتضی میلانی

۱۳۹۳

■ پیش بینی موقعیت استقرار پروتئینها در اجزاء زیرسلولی با استفاده از رویکرد پیشنهاد شخصی بر اساس شبکه های دو بخشی

الناز میرزائی مهرآباد

۱۳۹۳

■ مبتنی بر قید دو گانه PC استنباط شبکه های تنظیمی ژنی از داده بیان ژن با استفاده از الگوریتم

امید شریفی

۱۳۹۲

■ روشی برای تخصیص دمین های پروتئینی بر پایه ی نظریه ی گراف

آمنه کوچکزاده

۱۳۹۲

■ بررسی و تبیین اثر همشنوایی در شبکه های پیچیده

حمید تراکمی

۱۳۹۲

■ بازسازی شبکه های رتیکولت از چندین درخت فیلوژنتیک

نساء خلیلی ثمرتوئی

۱۳۹۲

■ پیچیدگی ساخت درختان چند برچسبی از روی اسپلیت ها

بهاره علی پناهی رامندی

۱۳۹۲

■ ساختن یک درخت فیلوژنیک با بر چسب چند گانه با کمترین تعداد برگها از روی یک مجموعه از سه تایی ها

الهه شائی شهرائی

۱۳۹۲

■ بدست آوردن درختان گونه ای با استفاده از درختان ژنی چندبرچسبی

مظاهر مقصودلو

۱۳۹۲

■ پیمان های قوی در گراف ها

حسن طاهری

۱۳۹۱

■ تنظیم شبکه بیان ژن بر مبنای شبکه بیزی

■ غیر افزونگی تام در گراف ها

شهاب الدین حق

۱۳۹۰

■ گراف های فوق بحرانی نسبت به متمم های نسبی

عبداله علی مددی

۱۳۹۰

■ یک روش ابتکاری برای زمان بندی یک تورنمنت و استفاده از استنباط بیزی برای توجیه نتایج آن

سهیلا شعبانی مشکول

۱۳۸۹

■ کاربرد موجک و چند جمله ای های چبیشف در حل دستگاه معادلات انتگرال –دیفرانسیل ولترا–فرد هلم

حدیث مختوای

۱۳۸۹

■ دوروش برای ساختن شبکه های فیلوژنتیکی چهار تایی وزندار: MCQ–NET,QNET

احسان متقی

۱۳۸۹

■ N–NET,MC–NET دوروش برای ساختن شبکه های فیلو ژنتیکی

رضا حسن زاده

۱۳۸۹

■ متریک های مقایسه شبکه های فیلوژنتیک

نجمه فیروزی

۱۳۸۷

■ روش جدید برای یافتن موتیف بر مبنای جبر خطی: Libra الگوریتم

علیرضا شیخ عطار

۱۳۸۶

■ بررسی برخی از الگوریتم های ساختن درختان فیلوژنتیک

تورج افقهی

۱۳۸۶